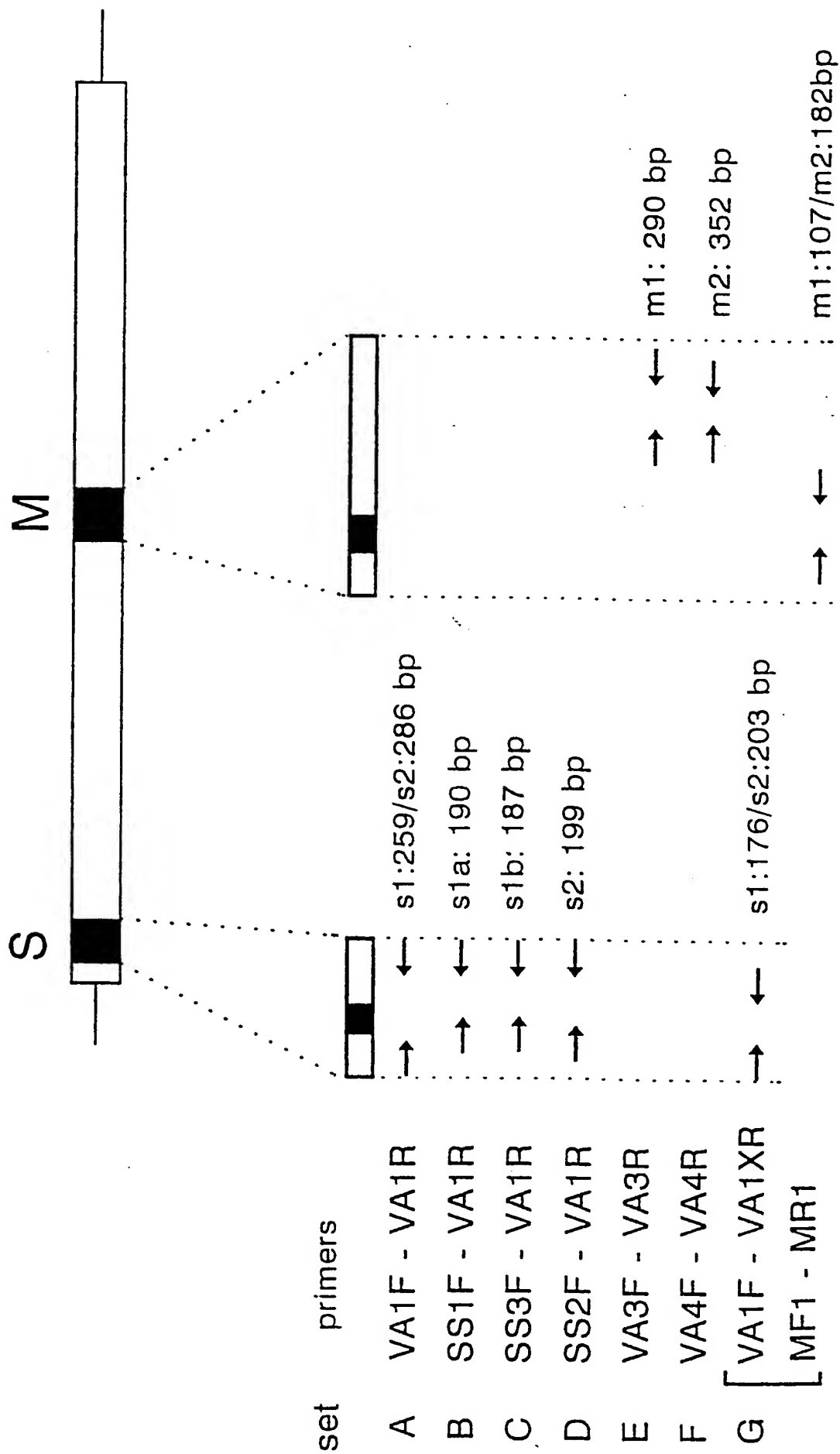


Figure 1



1  
 C7145\_S1 ATGGGAATACAAACAAACACCCGCAAAATCAATCGCCCTCTGGTTTCTCT  
 F30\_VALF -----  
 F32\_VALF VA1 - F -----N-----  
 F74\_VALF G-----Y-----  
 C4062\_VALF -----T-A-----  
 C4330\_VALF -----  
 C4705\_VALF -----  
 C5625\_VALF G-----T-A-----  
 C4619\_VALF -----A-----  
 43504\_VALF -----  
 F67\_VALF -----T-A-----  
 F68\_VALF -----T-A-----C  
 F73\_VALF --TGA-----  
 F76\_VALF -----T-A-----  
 F42\_VALF -----T-A-----  
 F12\_VALF CTA-----T-A-----  
 F25\_S1 -----T-A-----  
 F31\_VALF -----T-A-----  
 F43\_VALF -----T-----  
 F63\_VALF -----T-A-----  
 F69\_VALF -----T-A-----  
 F70\_VALF -----  
 F46\_VALF -----  
 F66\_VALF G-----T-A-----  
 F8\_VALF -----T-----  
 C4598\_VALF -----A-TA-----  
 C4601\_VALF -----T-A-----  
 C4602\_VALF -----T-A-----

51 P<sub>22</sub>S<sub>1</sub>A P<sub>1</sub>S<sub>1</sub> SS<sub>1</sub>F  
 C7145\_S1 CGCTTAGTAGGAGCATTAGTACGATCACACCGCAACCAAGTCTATGCCG  
 F30\_VALF -----G-----  
 F32\_VALF -----N-----N-----N-----  
 F74\_VALF T-----G-T-----YRY-Y-----  
 C4062\_VALF -----G-GTT-----A-A-----  
 C4330\_VALF -----G-----  
 C4705\_VALF -----G-----  
 C5625\_VALF T-----G-----  
 C4619\_VALF -----G-----  
 43504\_VALF T-----G-----  
 F67\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----  
 F68\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----  
 F73\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----  
 F76\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----  
 F42\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----  
 F12\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----  
 F25\_S1 T-T-----C-----G-GA-T-GC-T-----G-G-  
 F31\_VALF T-T-----C-NN-----G-GA-T-RC-T-----G-G-  
 F43\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-  
 F63\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-  
 F69\_VALF T-T-----C-N-----G-NA-T-TGC-T-----N-N-  
 F70\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-  
 F46\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-  
 F88\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-  
 F8\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-G-  
 C4598\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TC-T-----G-----  
 C4601\_VALF T-T-----C-----G-GA-T-TGC-T-----G-G-CT-----  
 C4602\_VALF T-T-----C-----G-TA-T-GC-T-----G-G-----

P<sub>22</sub>S<sub>1</sub>bP<sub>1</sub>S<sub>1</sub>bSS<sub>3</sub>F

Fig 2a - 1

101  
07145\_S1 CCCTTTTTCACACCGGTGATCATTCAGCCATTGTTGGGGGTATCGCTACA  
F30\_VA1F .....  
F32\_VA1F .....N.....N.....  
F74\_VA1F .....Y--R.....R.....  
C4062\_VA1F .....A.....  
C4330\_VA1F .....A.....  
C4705\_VA1F .....T.....A.....  
C5625\_VA1F .....  
C4619\_VA1F .....G.....  
43504\_VA1F .....G.....  
F67\_VA1F .....G.....  
F66\_VA1F .....  
F73\_VA1F .....G.....  
F76\_VA1F .....  
F42\_VA1F .....G...N.....NNNN.....  
F12\_VA1F .....C.....T.....  
F25\_S1 .....N.....  
F31\_VA1F .....T...N.....  
F43\_VA1F .....  
F63\_VA1F .....  
F69\_VA1F .....N...N.....C.....  
F70\_VA1F .....G.....C.....  
F46\_VA1F .....  
F86\_VA1F .....G.....C.....  
F8\_VA1F .....M.....G.....  
C4598\_VA1F .....G.....C.....  
C4601\_VA1F .....  
C4602\_VA1F .....G.....C.....

151  
VA1XR  
G3CACCGCTGTAGGAACGCTCTCAGGGCTCTTAGCTGGGGGCTCAAACA  
C7145\_S1 .....T...A--A.....  
F30\_VA1F .....T...A--A.....  
F32\_VA1F .....T...R.....  
F74\_VA1F .....T.....  
C4062\_VA1F ---TG-T.....G-T.....  
C4330\_VA1F ---G-T.....  
C4705\_VA1F ---G-T.....  
C5625\_VA1F ---G-T.....T.....G.....A.....  
C4619\_VA1F ---G-T.....  
43504\_VA1F ---G-T.....  
F67\_VA1F .....T.....  
F68\_VA1F .....T.....  
F73\_VA1F .....T.....  
F76\_VA1F .....T.....  
F42\_VA1F .....  
F12\_VA1F ---G-T.....T...A.....  
F25\_S1 .....N...Y...T...A--NW.....  
F31\_VA1F ---YG-T.....  
F43\_VA1F ---G-T.....  
F63\_VA1F .....A.....  
F69\_VA1F .....T...A--N.....  
F70\_VA1F .....T...A.....  
F46\_VA1F ---G-T.....  
F86\_VA1F .....T...A.....  
F8\_VA1F ---G-T.....N...Y.....NW.....  
C4598\_VA1F ---G-T.....  
C4601\_VA1F .....T...A.....  
C4602\_VA1F .....T...A.....

VA1-R

201  
 07145\_S1 AGCCGAGGAAGCCCAATAAAACCCGAGATAAACCCGATAAAGTTTGGCGCA  
 F30\_VA1F -----  
 F32\_VA1F -----  
 F74\_VA1F -----S-----R-----  
 C4082\_VA1F -----  
 C4330\_VA1F -----  
 C4705\_VA1F -----C-----G---G---C-----  
 C5825\_VA1F -----  
 C4819\_VA1F -----G---C-----  
 43504\_VA1F -----  
 F67\_VA1F -----  
 F68\_VA1F ---Y---S---S-----G--  
 F73\_VA1F -----  
 F76\_VA1F -----C-----G---G---C--  
 F42\_VA1F -----  
 F12\_VA1F -----G--  
 F25\_S1 -----G-----  
 F31\_VA1F -----C-----G--  
 F43\_VA1F -----G-----  
 F63\_VA1F -----G-----  
 F69\_VA1F -----G-----  
 F70\_VA1F -----G-----TAT--A--CGAT--AG--T-GCGC  
 F46\_VA1F -----G-----  
 F88\_VA1F -----G-----TAT--A--C  
 F8\_VA1F -----G-----  
 C4598\_VA1F -----C-----G---G---C--  
 C4601\_VA1F -----G-----  
 C4602\_VA1F -----G-----

251  
 07145\_S1 TTCAAGCAG  
 F30\_VA1F -----  
 F32\_VA1F -----  
 F74\_VA1F -----  
 C4082\_VA1F -----  
 C4330\_VA1F -----  
 C4705\_VA1F -----  
 C5825\_VA1F -----  
 C4819\_VA1F -----  
 43504\_VA1F -----  
 F67\_VA1F -----  
 F68\_VA1F -----  
 F73\_VA1F -----  
 F76\_VA1F -----  
 F42\_VA1F -----  
 F12\_VA1F -----  
 F25\_S1 -----  
 F31\_VA1F -----  
 F43\_VA1F -----  
 F63\_VA1F -----  
 F69\_VA1F -----  
 F70\_VA1F A-TC-AG -----  
 F46\_VA1F -----  
 F88\_VA1F -----  
 F8\_VA1F -----  
 C4598\_VA1F -----  
 C4601\_VA1F -----  
 C4602\_VA1F -----

Seq ID No

40  
 41  
 42  
 43  
 44  
 45  
 46  
 47  
 48  
 49  
 50  
 51  
 52  
 53  
 54  
 55  
 56  
 57  
 58  
 59  
 60  
 61  
 62  
 63  
 64  
 65  
 66

Fig 2a-3

VA1-F

VAS2

 $P_2S_2$ 

VA 1-R

201

Sep 10 No

Fig 2b-1

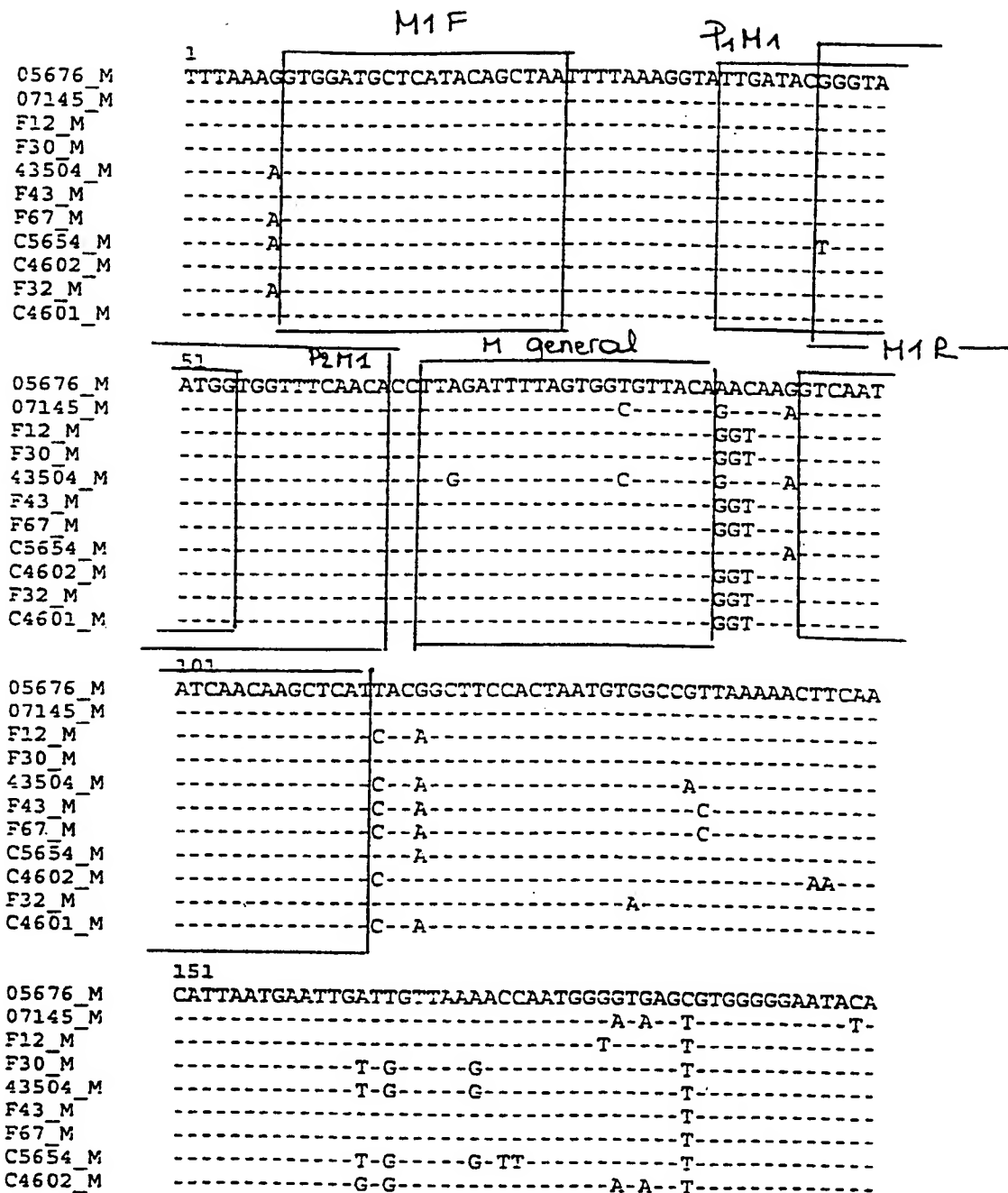


Fig 3a-1

```

F32_M      -----T-G-----G-----T-----
C4601_M    -----A-A--T-----

201
05676_M    CTCATTTTAGCGAAGATATAGGCAGTCAATCGCGCATCAATACCGTGCGT
07145_M    -----
F12_M      -----
F30_M      -----
43504_M    -----C-----
F43_M      -----
F67_M      -----
C5654_M    --T-----C-----
C4602_M    -----
F32_M      -----C-----
C4601_M    -----A-----

```

```

251
05676_M    TTGGAAACTGGCACTAGGTCAATCTTTTCTGGGGGTGTCAAATTTAAAG
07145_M    -----C-T--C-----T-----G-
F12_M      -----T-----G-
F30_M      -----G-
43504_M    --A-----
F43_M      -----A--C--T-----G-
F67_M      -----A--C--T-----G-
C5654_M    -----A--C--T-----G-
C4602_M    -----A-----
F32_M      -----
C4601_M    -----A-----T-----G-

```

Seq ID NO

---	44
---	45
---	46
---	47
---	48
---	49
---	50
---	51
---	52

Fig 3a - 2

29401_M	1	TTTAAGAGTGGATGCCCATACGGCTAA	TTTTAATGGCAATATTTATCTGG
05677_M		-----T-----A-----T-----	
F31_M		-----C-----T-----A-----T-----	
F24_M		C-----T-----A-----T-----T-----	
F28_M		-----T-----A-----T-----	
F76_M		-----T-----A-----T-----	
F68_M		-----T-----A-----T-----	
F90_M		-----G-----T-----A-----T-----T-----	
C5825_M		-----C-----T-----A-----T-----T-----	
C4084_M		-----T-----A-----T-----	
C4598_M		C-----T-----A-----T-----	

		M1F	P1M2
29401_M	51	GAAAATCCACGAATTTAAGAGTGAATGGC	CATACCGCTCATTTTAAAAAC
05677_M		-----G-----	-----T-----
F31_M		-----G-----	-----T-----
F24_M		-----G-----	-----T-----
F28_M		-----G-----	-----T-----
F76_M		-----G-----	-----T-----
F68_M		-----G-----	-----T-----
F90_M		-----G-----	-----T-----
C5825_M		-----G-----	-----T-----
C4084_M		-----A-----	-----G-----T-----
C4598_M		-----G-----	-----T-----

		P2M2	M general
29401_M	101	ATTGATGCTACAAAGAGCGATAACGGGCTAAACACTAGCACCTTGGATTT	
05677_M		-----C-----	-----G-T-----
F31_M		-----C-GC-----	-----G-T-----
F24_M		-----C-GT-----	-----TG-T-----
F28_M		-----C-GT-----	-----C-----T-----
F76_M		-----C-GT-----	-----T-T-----
F68_M		-----C-GT-----	-----G-T-----
F90_M		-----C-GT-----	-----GYT-----
C5825_M		-----C-----	-----G-T-----
C4084_M		-----C-GT-----T-----T-----	-----TG-T-----
C4598_M		-----GT-----	-----G-T-----

		M1R
29401_M	255	CAGTGGCGTTACAGACAAAGTCAATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCA
05677_M		T-----T-----AT-----
F31_M		-----C-----AT-----
F24_M		T-----C-----T-----AT-----
F28_M		-----C-----T-----AT-----
F76_M		-----AT-----
F68_M		Y-----C-----Y-----AT-----
F90_M		T-----C-----Y-----AT-----
C5825_M		-----C-----T-----AT-----

Fig 3b-1



C4084_M	G--C-----A-----
C4598_M	T--C-----AT-----
201	
29401_M	CTAATGTGAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACC
05677_M	-----CG-C-----A-----
F31_M	-----CG-----G-----
F24_M	-----CG-----
F28_M	-----C-----A-----
F76_M	-----CG-----
F68_M	-----CG-----A-----
F90_M	-----CR-----Y-----
C5825_M	---C-----C-----
C4084_M	-----C-----A-----G-----
C4598_M	-----C-----
251	
29401_M	CGTGTTCAGAGTTTGGGCAATACACTATTTTGGCGAAAATATAGGCCGA
05677_M	-----A-----
F31_M	-----
F24_M	--A-----A-----
F28_M	--A-----
F76_M	--C-----
F68_M	--A-----A-----
F90_M	--A-----A-----
C5825_M	--A-----A-----
C4084_M	-----A-----
C4598_M	--A-----A-----
301	
29401_M	TAAGTCTCGCATTGGTGTCTGTGAGTTTGCAAACGGGATATAGCCCCGGCCT
05677_M	-----T-----
F31_M	-----
F24_M	-----T-----
F28_M	---CTG-A-----A---
F76_M	-----T-----
F68_M	-----T-----
F90_M	-M-----T-----R-----
C5825_M	-----
C4084_M	-C-A-G-----T-----T-C-----
C4598_M	-----
351	
29401_M	ATTCTGGGGGCGTTACTTTTAAAGG
05677_M	-----A-----
F31_M	-----A-----
F24_M	-----A-----
F28_M	-----GC-----A-----
F76_M	-----A-----
F68_M	-----A-----
F90_M	-----A-----
C5825_M	-----A-----
C4084_M	-----A-----
C4598_M	-----A-----

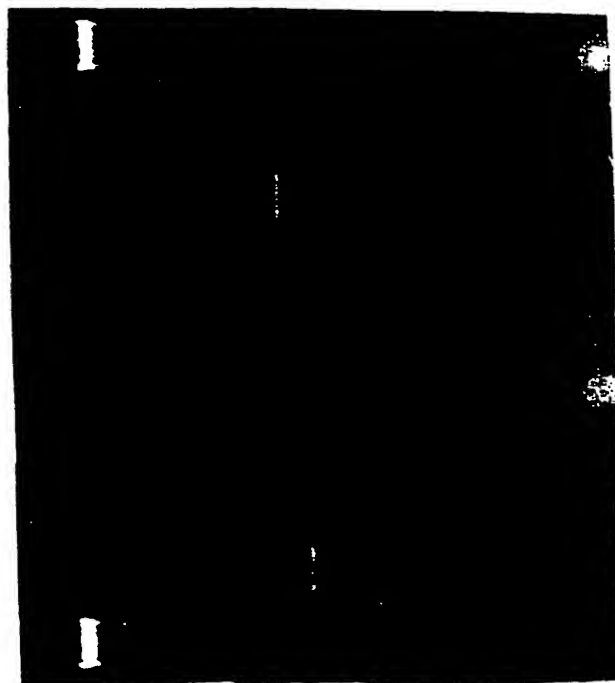
  

	Seq ID N°
-----A-----	83
-----A-----	84
-----A-----	85
-----A-----	86
-----A-----	87
-----A-----	88
-----A-----	89
-----A-----	90
-----A-----	91

Fig 3b-2

# Gastric biopsy 18

M A B C D E F G M

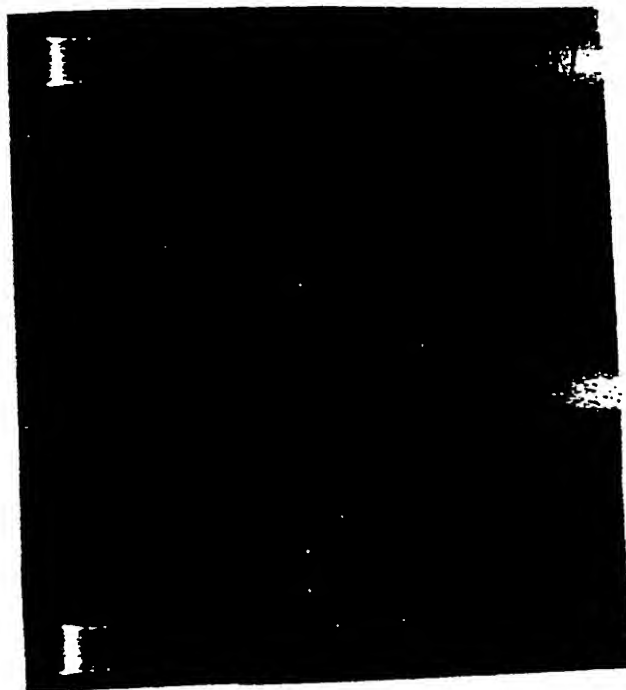


506/517  
 396  
 220  
 154  
 75

Fig. 4

# Gastric biopsy 41

M A B C D E F G M



506/517

396

220

154

75

Fig. 5

isolate F67

M A B C D E F G M

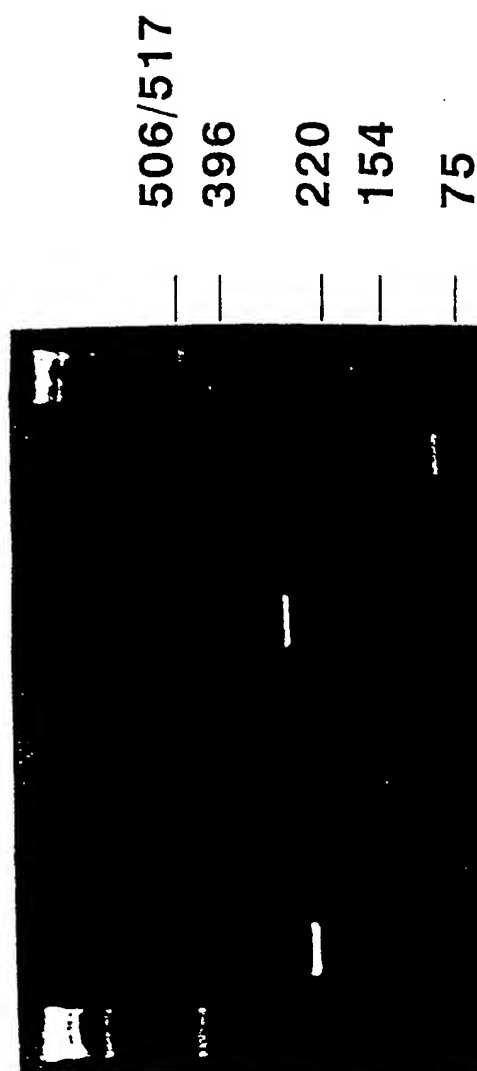
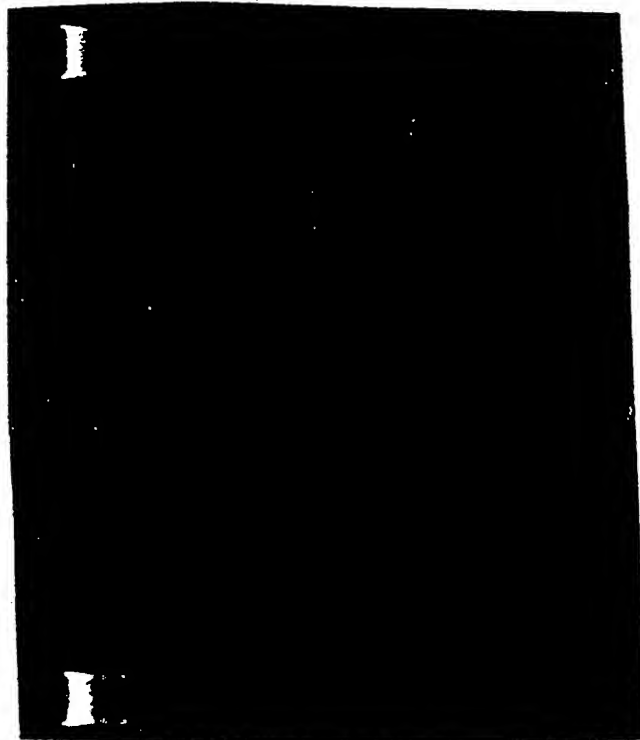


Fig. 6

isolate 25

M A B C D E F G M



506/517

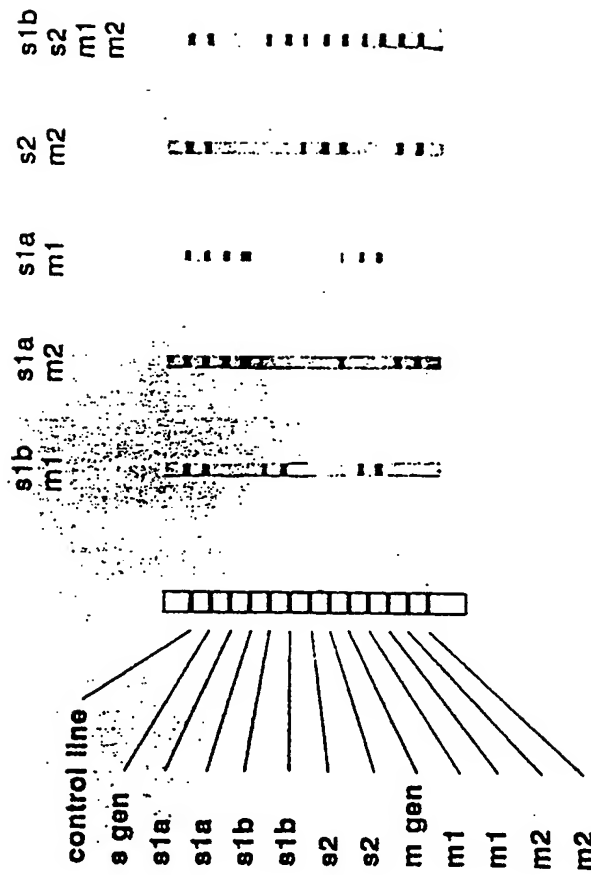
396

220

154

75

Fig. 7



Outline of *Helicobacter pylori* vacA LiPA

Fig. 8

multiplex PCR vacA s/m and cagA

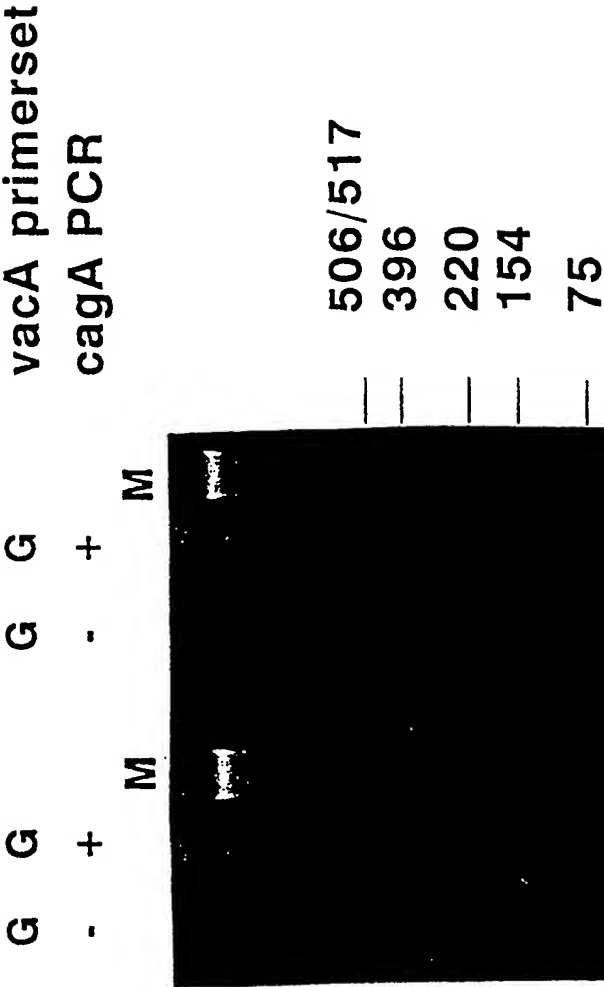


Fig. 9

16/61

Figure 10 Alignment of cagA nucleic acid sequences

	START ORF	CagSF (seq id no 19; fwd)	
AMST7001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AMS23001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
8832001C2	ATGGCTAACGAAACTATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AUS10001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
HPCAICEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AMS45001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AM79001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AUS5001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AUS21RCAG2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
I16001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AI9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
I17001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAGC-----CACAAAG		35
AM82001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AUS1001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
HPMAJCEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
AM105001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA-T---CAACAAC-----CACGAAG		35
J123001C2	ATGACTAACGAAACCATTTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG		35
J39001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAAGAACACAGACCAACAAAG		50
HK7001C2	ATGACTAATGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
HK12001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
HK8001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
CH2001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
CH4001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
HK9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
8828001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACAACAACACAGATCAAAACACCAA		50
***.***** ***** *** * **** * *			



100

\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*  
\*

18/61

cagSR (seq id no 20; rev)

AMST7001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS23001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
8832001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS10001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPCAICEU2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS45001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM79001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS5001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS21RCAG2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I16001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AI9001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I17001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM82001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS1001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPMAJCEU2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM105001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
J123001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
J39001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HK7001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK12001C2	TCCTTAAAGTTGATAGCGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK8001C2	TTCCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH2001C2	TTATTTAAAGTTGATGACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH4001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK9001C2	TTATTTAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150
8828001C2	TTATCAAAAGTTGATAACGCTGTGCGCTTCATTTGATCCTGATCAAAAACCA	150

\* \* \* \* \* \*\*\*\*\*

19/61

F1 (Tummuru<sup>1</sup>)

AMST7001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AMS23001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
8832001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS10001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
HPCAICEU2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGGAATCTC	185
AMS45001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AM79001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATAGAAATCTC	185
AUS5001C2	ATTATTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS21RCAG2	ATCATTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATAGAAATCTC	185
I16001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AI9001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
I17001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AM82001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS1001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
HPMAJCEU2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGGGAATCTC	185
AM105001C2	ATCGTTGATAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
J123001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	185
J39001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK7001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK12001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK8001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
CH2001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
CH4001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK9001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
8828001C2	ATCGTTGATAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200

\*\*\*\*\*  
\*\* .\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*  
\*\*\*\*\*

cagFN1 (seq id no 21)



21/61

cagRN1 (seq id no 22)

AMST7001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS23001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
8832001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS10001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPCAICEU2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS45001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM79001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS5001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS21RCAG2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
I16001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AI9001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
I17001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM82001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS1001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPMAJCEU2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM105001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
J123001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
J39001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HK7001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK12001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK8001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
CH2001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
CH4001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
HK9001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300
8828001C2	AGAATCAGTATTTTTCAGACTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	300

\*\*\*\*\* \* .. \*\*\*\*\* .. \*\*\*\*\* \* .. \*\*\*\*\* \* .. \*\*\*\*\*

AMST7001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AMS23001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
8832001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AUS10001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
HPCA1CEU2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AMS45001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AM79001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AUS5001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AUS21RCAG2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
I16001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
A19001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
I17001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AM82001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AUS1001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
HPMAJCEU2	AAAGACAAATCTCATTTGTCGTGGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
AM105001C2	AAAGACAAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
J123001C2	AAAGACAGTCTCATTTGATACAGGTTCTTCCATAAAGAGCTTTTCAGAAATT	335
J39001C2	AAAGACAGTCTCATTTGATACAGGTTCTTCCATAAAGAGCTTTTCAGAAATT	350
HK7001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGAGACCTTTTAAGAAATT	350
HK12001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCTGTAGAGAGCTTTTAAGAAATT	350
HK8001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTTAAGAAATT	350
CH2001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTTAAGAAATT	350
CH4001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTTAAGAAATT	350
HK9001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTTAAGAAATT	350
8828001C2	AAAGACAAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTTAAGAAATT	350
***** . ***** . * . ***** . * * * * *****		

23/61

AMST7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AMS23001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
8832001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS10001C2	TTGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
HPCAICEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AMS45001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM79001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS5001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS21RCAG2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
I16001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAATG	385
AI9001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
I17001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM82001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AUS1001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
HPMAJCEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
AM105001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
J123001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	385
J39001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK12001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK8001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
CH2001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
CH4001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
HK9001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400
8828001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTTCACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG	400

\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\* \* . \* . \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\* \*

[illegible]



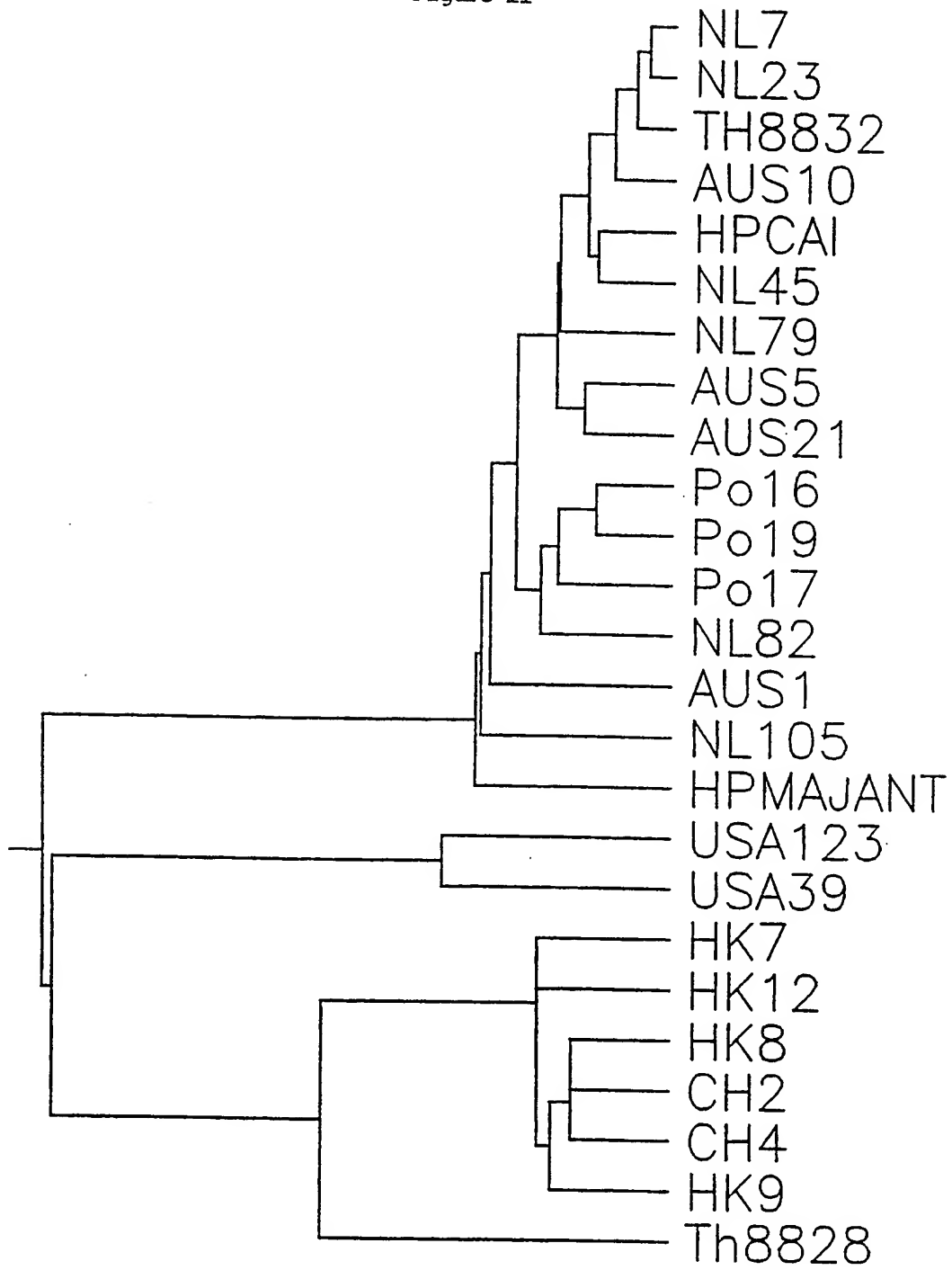
25/61

AMST7001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 92)
AMS23001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 93)
8832001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 94)
AUS10001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 95)
HPCAICEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. X70039)
AMS45001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 96)
AM79001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 97)
AUS5001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 98)
AUS21RCAG2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 99)
I16001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 100)
AI9001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 101)
I17001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 102)
AM82001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 103)
AUS1001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 104)
HPMAJCEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. L11714)
AM105001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 105)
J123001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 106)
J39001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 107)
HK7001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 108)
HK12001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 109)
HK8001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 110)
CH2001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 111)
CH4001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 112)
HK9001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 113)
8828001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 114)
*****			

<sup>1</sup> Tummuru et al., 1993. Inf. & Immun. 61, 5, 1799-1809.

26/61

Figure 11



27/61

Figure 12 Alignment of vacA s1 and s2 sequences

```
s2
1
29401_SSEQ  CCCCTATTATTCTCTCGCTTTAGTGGGGTGTATGGCACCGAACCTGG
C3964_SSEQ  -----C-----C-----T-----A-
C4599_SSEQ  -----C-----C-----T-----A-
F24_SSEQ    -----C-----C-----T-----A-
J262001     -----C-----C-----T-----A-
F28_SSEQ    -----C-----C-----T-----A-
AUS24001    -----C-----C-----T-----A-
C4600_SSEQ  -----C-----C-----T-----A-
AUS15001    -----C-----C-----T-----A-
F90_SSEQ    -----C-----C-----T-----A-
J154001     -----C-----C-----T-----A-
CR3001      -----C-----C-----T-----A-

s1c
HK43001     ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
N3001       ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
HK51001     ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
HK41001     ---C-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
HK35001     ---C-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
95_24001    ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
TH8835001   ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
TH8828001   ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
95_20001    ---T-AG-----T-A-GG-CA---T-AC---
HK48001     ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
HK46001     ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
TH8832001   ---T-AG-----C-A-GG-CA---T-AC---
HK44002     ---C-GG-A-----C-A-GG-CA---T-AC---
HK42001     ---C-GG-----C-A-GG-CA---T-AC---
```

28/61

1

CH2001      ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...  
 NIP2001      ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...  
 CH4001      ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...  
 N5001        ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...  
 NIP1001      ---C-GG-----T-A-GG-CA--T-AC--...  
 TH8839001    ---T-AG-----T-A-GG-TA--T-AC--...  
 HK67001      ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--...

slb

F68\_SS        ---T-AG---CT-T---CA-A-C--G--TA--T--AT--...  
 AUS5001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 AUS19001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 C4602\_SS        ---T-AG---T---CA-A-C--T--TA-G--AT--...  
 TH8837001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 C4601\_SS        ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 C4598\_SS        ---T---T---CA-A-C--G--TA--T--AT--...  
 F69\_SS        ---T-AG---T---CA-NA-C--N--TA-TG--AT--...  
 9011001        ---T-GG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 9022001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 F12\_SS        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 F76\_SS        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA--T--AT--...  
 F73\_SS        ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 F67\_SS        ---T-GG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 9016001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 9019001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 F88\_SS        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 F70\_SS        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 J133001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 J174001        ---T-AG---T---CA-A-C--G--TA-TG--AT--...  
 CR1001        ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...  
 CR18001        ---T-AG---T-T---CA-A-C--G--TA-G--AT--...

29/61

1

F25\_SS ---T-AG-----T-----CA-A-C--G--TA-G-AT-...  
 9013001 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...  
 F46\_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...  
 F8\_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...  
 F43\_SS ---T-GG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...  
 F63\_SS ---T-AG-----T-----CA-A-C--G--TA-T-AT-...  
 F31\_SS ---T-AG-----T-----CANNA-C--G--TA-R-AT-...  
 F42\_SS ---T-AG-----T-T-----CA-A-C--G--TA-G-AT-...  
 9012001 ---C-GG-----G-T-----CA-A-C--G--TA--T-AC-...

sla

HP07145\_S1 ---C-GG-----A-A-CA--G-CA--T-AC-...  
 J123001 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 F30\_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 C4330\_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 C4705\_SS ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 J178001 ---T-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 43504\_SS ---C-GG-----T-----A-A-C--G-CA--T-AC-...  
 C4819\_SS ---C-AG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 C5825\_SS ---T-AG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 F32\_SS ---C-G-----A-A-CA--G-CA--T-AC-...  
 HK66001 ---C-GG-----A-A-C--GG-CA--T-AC-...  
 CH5001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 CH3001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 CH8001 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 CH7001 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...  
 F74\_SS ---Y-GG-----T-----A-A-CA--GR-TA-YRY-AY-...  
 AUS10001 -----C-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...

30/61

S2

51

29401\_SSEQ GGGCTAACACGCCAAATGATCCCATACACAGCGAGAGTCGCGCTTTTTC  
C3964\_SSEQ -----C-----C-----C-----T  
C4599\_SSEQ -----C-----C-----C-----  
F24\_SSEQ -----T-----C-----C-----  
J262001 -----T-----C-----C-----  
F28\_SSEQ -----C-----C-----C-----T  
AUS24001 -----C-----C-----C-----  
C4600\_SSEQ -----C-----C-----C-----  
AUS15001 -----C-----C-----C-----T  
F90\_SSEQ -----C-----C-----C-----T  
J154001 -----T-----C-----T-----  
CR3001 -----C-----C-----

slc

HK43001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T  
N3001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T  
HK51001 -A-...-AA-AGT--G-...T-C-C-C-T  
HK41001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
HK35001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
95\_24001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
TH8835001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
TH8828001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
95\_20001 -A-...-AA-AGT--G-...C-----  
HK48001 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
HK46001 -A-...-AA-AGT--G-...C-----T  
TH8832001 -A-...-AA-AGT--G-...C-----T  
HK44002 -A-...-AA-AGT--G-...C-C-C-T  
HK42001 -A-...-AA-AGT--G-...C-----

31/61

51

CH2001	.....	--AA-AGT--G-	.....	--C-C-T
NIP2001	.....	--AA-AGT--G-	.....	--C-C-T
CH4001	.....	-A-.....	.....	--C-C-T
N5001	.....	-A-.....	.....	--C-C-T
NIP1001	.....	--AA-AGT--G-	.....	--C-C-T
TH8839001	.....	--AA-AGT--G-	.....	--C-C-T
HK67001	.....	-A-.....	.....	--C-C-T

slb

F68_SS	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
AUS5001	.....	--GA-AGT--G-	.....	--C-C-T
AUS19001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
C4602_SS	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
TH8837001	.....	--GA-AGTT--G-	.....	--C-C-T
C4601_SS	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
C4598_SS	.....	--GA-AGT--G-	.....	--C-C-T
F69_SS	.....	--NANAGT--G-	.....	--C-C-T
9011001	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
9022001	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
F12_SS	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
F76_SS	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
F73_SS	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
F67_SS	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
9016001	.....	--CA-AGT--G-	.....	--C-C-T
9019001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
F88_SS	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
F70_SS	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
J133001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
J174001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
CR1001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T
CR18001	.....	--GAGAGT--G-	.....	--C-C-T

32/61

51

F25\_SS  
9013001  
F46\_SS  
F8\_SS  
F43\_SS  
F63\_SS  
F31\_SS  
F42\_SS  
9012001

sla

51

HP07145_S1	.....-CA-AGT--G-.....C-----
J123001	.....-CA-AGT--G-.....C-----
F30_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
C4330_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
C4705_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----T
J178001	.....-CA-AGT--G-.....C-----
43504_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
C4819_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
C5825_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
F32_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----
HK66001	.....-CA-AGT--G-.....C--A-T
CH5001	.....-CA-AGT--G-.....C-----T
CH3001	.....-CA-AGT--G-.....C-----T
CH8001	.....-CA-AGT--G-.....C-----T
CH7001	.....-CA-AGT--G-.....C-----T
F74_SS	.....-CA-AGT--G-.....C-----Y
AUS10001	.....-CA-AGT--G-.....C-----



33/61

s2

101  
29401\_SSEQ ACAACCGTGATCATTCAGCCATTGTTGGGG (Genbank access. U29401)  
C3964\_SSEQ (seq id no 115)  
C4599\_SSEQ (seq id no 116)  
F24\_SSEQ (seq id no 117)  
J262001 (seq id no 118)  
F28\_SSEQ (seq id no 119)  
AUS24001 (seq id no 120)  
C4600\_SSEQ (seq id no 121)  
AUS15001 (seq id no 122)  
F90\_SSEQ (seq id no 123)  
J154001 (seq id no 124)  
CR3001 (seq id no 125)

slc

HK43001 (seq id no 126)  
N3001 (seq id no 127)  
HK51001 (seq id no 128)  
HK41001 (seq id no 129)  
HK35001 (seq id no 130)  
95\_24001 (seq id no 131)  
TH8835001 (seq id no 132)  
TH8828001 (seq id no 133)  
95\_20001 (seq id no 134)  
HK48001 (seq id no 135)  
HK46001 (seq id no 136)  
TH8832001 (seq id no 137)  
HK44002 (seq id no 138)  
HK42001 (seq id no 139)

34/61

101

CH2001	-----M-----	(seq id no 140)
NIP2001	-----	(seq id no 141)
CH4001	-----H-----	(seq id no 142)
N5001	-----Y-----A--	(seq id no 143)
NIP1001	-----A--	(seq id no 144)
TH8839001	-----T-----G-T----	(seq id no 145)
HK67001	-----C-----CCCC	(seq id no 146)

slb

F68_SS	-----	(seq id no 147)
AUS5001	-----A-----T-----	(seq id no 148)
AUS19001	--G-----	(seq id no 149)
C4602_SS	--G-----	(seq id no 150)
TH8837001	--G-----	(seq id no 151)
C4601_SS	-----	(seq id no 152)
C4598_SS	--G-----	(seq id no 153)
F69_SS	--N-----N-----	(seq id no 154)
9011001	-----G-----	(seq id no 155)
9022001	-----	(seq id no 156)
F12_SS	-----	(seq id no 157)
F76_SS	-----	(seq id no 158)
F73_SS	--G-----	(seq id no 159)
F67_SS	--G-----	(seq id no 160)
9016001	-----V-----G--A-	(seq id no 161)
9019001	--G-----	(seq id no 162)
F88_SS	--G-----	(seq id no 163)
F70_SS	--G-----	(seq id no 164)
J133001	--G-----	(seq id no 165)
J174001	-----R-----	(seq id no 166)
CR1001	-----A-----	(seq id no 167)
CR18001	--G-----A-----	(seq id no 168)

35/61

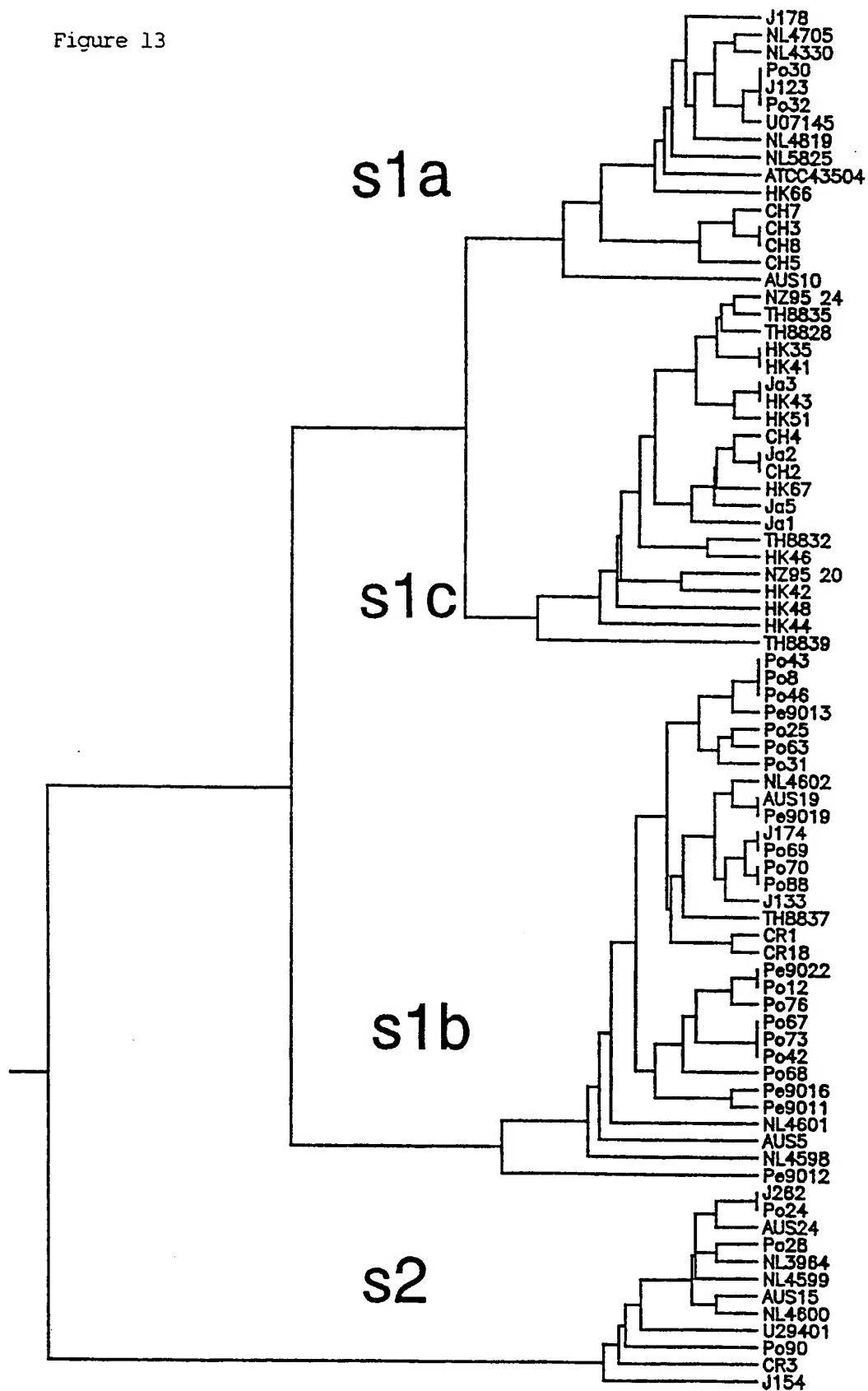
101  
F25\_SS (seq id no 169)  
9013001 (seq id no 170)  
F46\_SS (seq id no 171)  
F8\_SS (seq id no 172)  
F43\_SS (seq id no 173)  
F63\_SS (seq id no 174)  
F31\_SS (seq id no 175)  
F42\_SS (seq id no 176)  
9012001 (seq id no 177)

sla

HP07145\_S1 (Genbank U07145)  
J123001 (seq id no 178)  
F30\_SS (seq id no 179)  
C4330\_SS (seq id no 180)  
C4705\_SS (seq id no 181)  
J178001 (seq id no 182)  
43504\_SS (seq id no 183)  
C4819\_SS (seq id no 184)  
C5825\_SS (seq id no 185)  
F32\_SS (seq id no 186)  
HK66001 (seq id no 187)  
CH5001 (seq id no 188)  
CH3001 (seq id no 189)  
CH8001 (seq id no 190)  
CH7001 (seq id no 191)  
F74\_SS (seq id no 192)  
AUS10001 (seq id no 193)

36/61

Figure 13



37/61

Figure 14 Alignment of vacA m-region nucleic acid sequences

1

29401_M	GTGGATGCCCATACGGCTAATTTTAATGGCAATATTTATCTGGGAAATC
05677_M	-----T-----A--T-----
HK43001	-----T-----A--T-----
HK66001	-----T-----A--T-----
N1AI001	-----T-----A--T-----
N5AI001	-----T-----A--T-----
C5825_M	-----T-----A--T-----T-----
CE91C001	-----T-----A--T-----
C4598_M	-----T-----A--T-----
F68_M	-----T-----A--T-----
HK42001	-----T-----A--T-----G-----
HK54001	-----T-----A--T-----G-----
HK33001	-----T-----A--T-----G-----
HK52001	-----T-----A--T-----G-----
HK50001	-----T-----A--T-----
HK29001	-----T-----A--T-----
HK47001	-----T-----A--T-----
HK51001	-----T-----A--T-----
CE192C001	-----T-----A--C-----T-----
F76_M	-----T-----A--T-----
HK35001	-----T-----A--T-----C-----
C4084_M	-----T-----A--T-----
N2_2001	-----T-----A--T-----
CR3001	-----T-----A--C-----G-----
AUS5001	-----T-----A--T-----G-----
J154001	-----T-----A--T-----G-----
F31_M	-----C--T-----A--T-----
J123001	-----T-----A--T-----

38/61

1  
J133001 T--A--T--T--  
F24\_M T--A--T--T--  
J174001 T--A--T--T--  
AUS15001 -C-T--A--T--T--  
TH8835001 T--A--T--T--  
TH8828001 T--A--T--G--T--  
J262001 T--A--T--T--  
F90\_M -G--T--A--T--T--  
TH8839001 T--A--T--T--  
TH8837001 T--C--C--T--  
AUS24001 T--C--C--T--  
F28\_M T--A--T--T--  
9016\_2001 T--A--T--T--  
9013\_2001 A--T--A--T--T--  
9012\_2001 T--A--T--T--  
HK41001 T--ATC--G--T--G--T--  
HK46002 T--ATC--G--T--G--T--  
CH4001 T--ATC--C--G--T--G--T--  
07145\_M T--A--A--T--T--  
05676\_M T--A--A--T--T--  
CE26C001 T--A--A--T--T--  
F12\_M T--A--A--T--T--  
C4601\_M T--A--A--T--T--  
CE56C001 T--A--A--T--T--  
CE197001 T--A--A--T--T--  
C4602\_M T--A--A--T--T--  
C5654\_M T--A--A--T--T--  
CH3001 T--A--A--T--T--  
CH5001 T--A--A--T--T--

39/61

CH7001 1-----A-----A-----  
CR2001 -----T-----A-----  
F67\_M -----T-----A-----  
9019001 -----T-----A-----  
9012\_1001 -----T-----A-----  
9022001 -----T-----A-----  
9011001 -----GT-----A-----  
9016\_1001 -----T-----A-----  
CR1001 -----T-----A-----  
CR18001 -----T-----A-----  
AUS10001 -----T-----A-----  
NIP76001 -----T-----A-----  
NIP32001 -----T-----A-----  
N3AII001 -----T-----A-----  
AUS1001 -----T-----A-----  
F30\_M -----T-----A-----  
F32\_M -----T-----A-----  
J178001 -----GT-----A-----  
N1B001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
N5B001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK40001 -C-AGACGT-----TC-----A-A-----  
HK39001 -C-AGACGT-----TC-----A-A-----  
CH8001 -----TC-----A-----  
HK44001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK45001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK55001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK30001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK67002 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK49001 -C-AGC--T-----TC-----A-A-----  
HK48001 AC-AGC--T-----TC-----A-A-----

40/61

51

29401_M	CACGAATTTAAGAGTGAATGGCCATACCGCTCATTTTFAAAAACATTGATG	-----G-----T-----
05677_M		-----G-----T-----
HK43001		-----G-----T-----
HK66001		-----G-----T-----
N1AI001		-----G-----T-----
N5AI001		-----G-----T-----
C5825_M		-----G-----T-----
CE91C001		-----G-----T-----
C4598_M		-----G-----T-----
F68_M		-----G-----T-----
HK42001		-----G-----T-----
HK54001		-----G-----T-----
HK33001		-----G-----T-----
HK52001		-----G-----T-----
HK50001		-----G-----T-----
HK29001		-----G-----T-----
HK47001		-----G-----T-----
HK51001		-----G-----T-----
CE192C001		-----G-----T-----
F76_M		-----G-----T-----
HK35001		-----G-----T-----
C4084_M		-----G-----T-----
N2_2001		-----G-----T-----
CR3001		-----G-----T-----
AUS5001		-----G-----T-----
J154001		-----G-----T-----
F31_M		-----G-----T-----
J123001		-----G-----T-----



41/61

51

J133001	-----G-----T-----
F24_M	-----G-----T-----
J174001	-----T-----T-----
AUS15001	-----G-----T-----
TH8835001	-----G-----T-----
TH8828001	-----G-----T-----
J262001	-----G-----T-----
F90_M	-----G-----T-----
TH8839001	-----G-----T-----
TH8837001	-----G-----T-----
AUS24001	-----G-----T-----
F28_M	-----G-----T-----
9016_2001	-----G-----T-----
9013_2001	-----G-----T-----
9012_2001	-----G-----T-----
HK41001	T---C---A---T---A-CA---G-T---
HK46002	---C---A---T---A-CA---G-T---
CH4001	---C---A---A-CA---G-T---
07145_M	.....T-----A
05676_M	.....T-----A
CE26C001	.....T-----A
F12_M	.....T-----A
C4601_M	.....T-----A
CE56C001	.....T-----A
CE197001	.....T-----A
C4602_M	.....T-----A
C5654_M	.....T-----A
CH3001	.....T-----A
CH5001	.....T-----A

51.....T-----A  
CH7001.....T-----A  
CR2001.....T-----A  
F67\_M.....T-----A  
9019001.....T-----A  
9012\_1001.....T-----A  
9022001.....T-----A  
9011001.....T-----A  
9016\_1001.....T-----A  
CR1001.....T-----A  
CR18001.....T-----A  
AUS10001.....T-----A  
NIP76001.....T-----A  
NIP32001.....T-----A  
N3AII001.....T-----A  
AUS1001.....T-----A  
F30\_M.....T-----A  
F32\_M.....T-----A  
J178001.....T-----A  
N1B001.....T-----A  
N5B001.....T-----A  
HK40001.....T-----A  
HK39001.....T-----A  
CH8001.....T-----A  
HK44001.....T-----A  
HK45001.....T-----A  
HK55001.....T-----A  
HK30001.....T-----A  
HK67002.....T-----A  
HK49001.....T-----A  
HK48001.....T-----A

101

29401_M	CTACAAAGAGCGATAACGGCTAAACACTAGCACCTTGGATTTCAGTGGC	-C-----G-T-----T-----
05677_M		-C-----T-----T-----C-----
HK43001		-C-----TG-T-----G-----C-----
HK66001		-C-----G-T-----G-----C-----
N1AI001		-C-----G-T-----G-----C-----
N5AI001		-C-----G-T-----C-----
C5825_M		-C-----T-----T-----C-----
CE91C001		-C-GT-----G-T-----T-----C-----
C4598_M		-C-GT-----G-T-----Y-----C-----
F68_M		-C-GT-----TG-T-----T-----C-----
HK42001		-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK54001		-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK33001		-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK52001		-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK50001		-C-----G-T-----T-----
HK29001		-C-GT-----TG-T-----T-----C-----
HK47001		-C-GT-----T-T-----T-----C-----
HK51001		-C-GT-----G-T-----G-----C-----
CE192C001		-C-GT-----T-T-----
F76_M		-C-GT-----T-T-----
HK35001		-C-----G-T-----G-----
C4084_M		-C-GT-----T-T-----TG-T-----G-----C-----
N2_2001		-C-T-----T-T-----G-T-----G-----C-----
CR3001		-C-GT-----G-T-----T-----C-----
AUS5001		-C-GC-----G-T-----T-----C-----
J154001		-GT-----G-T-----T-----C-----
F31_M		-C-GC-----G-T-----C-----
J123001		-C-GC-----T-----T-----T-----C-----

44/61

101

J133001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F24_M	-C-GT-----TG-T-----T-C--
J174001	-C-GT-----G-T-----T-C--
AUS15001	-C-----T-----G-C--
TH8835001	-C-----T-----T-C--
TH8828001	-C-GT-----T-----G-C--
J262001	-C-GTG-----G-T-----T-C--
F90_M	-C-GT-----GYT-----T-C--
TH8839001	-C-----T-TA-----T-----G-C--
TH8837001	-C-GC-----
AUS24001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F28_M	-C-GT-----C-T-----C--
9016_2001	--GT-----G-T-----G-C--
9013_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----G-C--
9012_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----G-C--
HK41001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
HK46002	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
CH4001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-CT-TT-----T-C--
07145_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----
05676_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE26C001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
F12_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C4601_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE56C001	-GGGC--TG-T-G-TT-----A-----T-----
CE197001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----
C4602_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C5654_M	-GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH3001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH5001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T

CH7001 101--GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----  
CR2001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
F67\_M -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
9019001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
9012\_1001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
9022001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
9011001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
9016\_1001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
CR1001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
CR18001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
AUS10001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
NIP76001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
NIP32001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
N3AII001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
AUS1001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
F30\_M -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
F32\_M -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
J178001 -GGT--TG-T-G-TT--CA-----A-----T-----T  
N1B001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
N5B001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-C-T-----T  
HK40001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
HK39001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
CH8001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
HK44001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-C-T-----T  
HK45001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-C-T-----T  
HK55001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
HK30001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T  
HK67002 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-C-T-----T  
HK49001 -GGT--TG-T-G-TT--AT-----A-C-T-----T  
HK48001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-C-T-----T

46/61

151

29401_M	GTACAGACAAAGTCAATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCACTAATGT	
05677_M	-----T-----	-----AT-----
HK43001	-----	-----AT-----
HK66001	-----	-----AT-----
N1AI001	-----	-----AT-----
N5AI001	-----	-----AT-----
C5825_M	-----T-----	-----AT-----C-
CE91C001	-----	-----AT-----
C4598_M	-----	-----AT-----
F68_M	-----Y-----	-----AT-----
HK42001	-----	-----AT-----
HK54001	-----	-----AT-----
HK33001	-----	-----AT-----
HK52001	-----	-----AT-----
HK50001	-----	-----AT-----
HK29001	-----	-----AT-----
HK47001	-----	-----AT-----
HK51001	-----	-----A-----
CE192C001	-----	-----AT-----
F76_M	-----	-----AT-----
HK35001	-----	-----AT-----
C4084_M	-----	-----A-----
N2_2001	-----A-----G-----	-----A-----
CR3001	-----	-----AT-----
AUS5001	-----T-----	-----AT-----
J154001	-----	-----AT-----
F31_M	-----	-----AT-----
J123001	-----T-----	-----A-----

47/61

151

J133001	-----	-----	AT-----
F24_M	-----	T-----	-----AT-----
J174001	-----	-----	-----AT-----
AUS15001	-----	-----	-----AT-----
TH8835001	-----	-----	-----AT-----
TH8828001	-----	-----	-----A-----
J262001	-----	-----	-----AT-----
F90_M	-----	Y-----	-----AT-----
TH8839001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
TH8837001	-----	-----	-----AT-----
AUS24001	-----	T-----	-----AT-----
F28_M	-----	T-----	-----AT-----
9016_2001	-----	A-----	-----A-----
9013_2001	-----	A-----	-----A-----
9012_2001	-----	A-----	-----T-----C-----A-----
HK41001	-----	A-----	-----C-----A-----C-----
HK46002	-----	A-----	-----C-----A-----C-----
CH4001	-----	-----	-----A-----
07145_M	-----	-----	-----T-----T-----
05676_M	-----	A-----	-----T-----T-----
CE26C001	-----	GT-----	-----T-----T-----
F12_M	-----	GT-----	-----TC-----A-----T-----
C4601_M	-----	GT-----	-----TC-----A-----T-----
CE56C001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
CF197001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
C4602_M	-----	GT-----	-----TC-----T-----
C5654_M	-----	A-----	-----T-----A-----T-----
CH3001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----
CH5001	-----	G-----	-----T-----A-----T-----

48/61

CH7001	151	----	A-----	-----	T--A--T--
CR2001		----	GT--G--	-----	TC--A--T--
F67_M		----	GT--G--	-----	TC--A--T--
9019001		----	GT--G--	-----	TC--A--T--
9012_1001		----	GT--G--	-----	T--T--T--
9022001		----	GT--T--	-----	TC--A--T--
9011001		----	GT--G--	-----	TA--T--T--
9016_1001		----	GT--G--	-----	T--T--T--
CR1001		----	-----	-----	TC--A--T--
CR18001		----	-----	-----	T--T--T--
AUS10001		----	-----	-----	T--A--T--
NIP76001		----	A--G--	-----	T--T--T--
NIP32001		----	A--G--	-----	T--A--T--
N3AII001		----	A--G--	-----	T--T--T--
AUS1001		----	-----	-----	T--A--T--
F30_M		----	GT--G--	-----	T--T--T--
F32_M		----	GT--G--	-----	T--T--T--
J178001		----	GT--G--	C-----	T--T--T--
N1B001		----	A--G--	-----	T--A--T--
N5B001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK40001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK39001		----	A--G--	-----	T--A--T--
CH8001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK44001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK45001		----	A--G--	A-----	T--A--T--
HK55001		----	A--G--	A-----	T--A--T--
HK30001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK67002		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK49001		----	A--G--	-----	T--A--T--
HK48001		----	A--G--	C-----	T--A--T--



49/61

201

29401_M	GAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACCCGTTTC	
05677_M	---CG-C---	---A---
HK43001	---C---	---A---G---
HK66001	---C---	---A---
N1AI001	---CG---	---A---
N5AI001	---CG---	---A---
C5825_M	---C---	---A---
CE91C001	---CG---	---A---
C4598_M	---C---	---A---
F68_M	---CG---	---A---
HK42001	---C---	---A---
HK54001	---C---	---A---
HK33001	---C---	---A---
HK52001	---C---	---A---
HK50001	---C---	---A---
HK29001	---C---	---A-T---
HK47001	---C---	---A---
HK51001	---C---	---T---G---
CE192C001	---CG---	---A---
F76_M	---CG---	---C---
HK35001	---C---	---A---
C4084_M	---C---	---A---G---
N2_2001	-TCC-	---A---G---
CR3001	---C---	---
AUS5001	---C---	---A---
J154001	---CG---	---A---
F31_M	---CG---	---G---
J123001	---CG---	---A---

201

J133001	---CG-----A-----
F24_M	---CG-----A-----
J174001	---CG-----A-----
AUS15001	---C-----A-----G-----
TH8835001	---C-----A-----
TH8828001	---C-----A-----G-----
J262001	---CG-----G-----
F90_M	---CR-----Y-----A-----
TH8839001	---C-----
TH8837001	---CG-----T-----A-----
AUS24001	---CG-----A-----
F28_M	---C-----A-----A-----
9016_2001	---C-----C-----
9013_2001	-TCC-----A-----G-----
9012_2001	-TCC-----A-----G-----
HK41001	-GCC-----T-----T-----AA-----T
HK46002	-GCC-----T-----T-----AA-----T
CH4001	-TCC-----T-----AA-----T
07145_M	-GCCG-----CA-----T-----A-----AA-----GGA
05676_M	-GCCG-----CA-----T-----A-----AA-----GGG
CE26C001	-GCCGC-----CA-----T-----A-----AA-----GGG
F12_M	-GCCG-----CA-----T-----A-----AA-----G-G
C4601_M	-GCCG-----CA-----T-----A-----AA-----GGA
CE56C001	-GCC-----CA-----T-----AG-----AA-----GGG
CE197001	-GCC-----CA-----T-----AG-----AA-----GGG
C4602_M	-GCCG-----AACA-----T-----A-----AA-----GGA
C5654_M	-GCCG-----CA-----T-----AG-TTAA-----GGG
CH3001	-GCC-----CA-----T-----A-----AA-----G-A
CH5001	-GCC-----CA-----T-----A-----AA-----G-A

51/61

CH7001 201-GCC-----CA-----T-----A-----AA--G-A  
CR2001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
F67\_M -GCCGC-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
9019001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--G-G  
9012\_1001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
9022001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
9011001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--G-G  
9016\_1001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--G-G  
CR1001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
CR18001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
AUS10001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
NIP76001 -GCC-----T-----A-T-----A--AA--GGA  
NIP32001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
N3AII001 -GCCG-----T-----A-T-----A--AA--GGG  
AUS1001 -GCC-----T-----T-----AG--AA--GGG  
F30\_M -GCCG-----T-----T-----AG--AA--GGG  
F32\_M AGCCG-----T-----T-----AG--AA--GGG  
J178001 -GCCG-----T-----A-T-G-A--AA--GGA  
N1B001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA  
N5B001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK40001 -GCCG-----GT-----T-----A--AA--GGA  
HK39001 -GCCG-----GT-----T-----A--AA--GGA  
CH8001 -GCC-----T-----T-----A--AA--G-A  
HK44001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK45001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK55001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK30001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK67002 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK49001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA  
HK48001 -GCC-----T-G-----T-----A--AA--GGA

52/61

251

29401_M	AGAGTTTGGGCAATACACTATTTTGGCGAAATATAGCGATAAGTCT
05677_M	-----A-----
HK43001	-----
HK66001	-----
N1AI001	-A-----G
N5AI001	-A-----G
C5825_M	-A-----G
CE91C001	-A-----C
C4598_M	-A-----
F68_M	-A-----
HK42001	-A-----
HK54001	-A-----
HK33001	-A-----
HK52001	-A-----
HK50001	-A-----
HK29001	-A-----
HK47001	-----
HK51001	-----A-----
CE192C001	-----T-----
F76_M	-----
HK35001	-----
C4084_M	-----A---C-A--G
N2_2001	-----C-A--G
CR3001	-----
AUS5001	-----
J154001	-----
F31_M	-----
J123001	-A-----

251

J133001	-----	-----	-----
F24_M	-A-----	-----	-----
J174001	-----	-T-----	-G-----
AUS15001	-----	-----	-----
TH8835001	-----	-----	-----
TH8828001	-----	-----	-T-----
J262001	-----	-----	-----
F90_M	-A-----	-----	-M-----
TH8839001	-A-----	-----	-----
TH8837001	-----	-----	-----
AUS24001	-A-----	-----	-G-----
F28_M	-----	-----	-----
9016_2001	-----	-----	-CTG-----
9013_2001	-----	-----	-G-----
9012_2001	-----	-----	-----
HK41001	T-----	-G-G--A--	-----
HK46002	T-----	-G-G--A--	-----
CH4001	T-----	-G-G--A--	-----
07145_M	TA-----	-G-G--G--	-----
05676_M	T-----	-CG-G--G--	-----
CE26C001	T-----	-G-G--G--	-----
F12_M	T-----	-G-G--G--	-----
C4601_M	TA-----	-G-G--G--	-----
CE56C001	T-----	-CG-G--G--	-----
CE197001	T-----	-G-G--G--	-----
C4602_M	TA-----	-G-G--G--	-----
C5654_M	T-----	-G-G--G--	-----
CH3001	TA-----	-CG-G--G--	-----
CH5001	TA-----	-CG-G--G--	-----

CH7001 251TA--CG-G--G--A--A--G--G--G--AG-C-A--G  
CR2001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
F67\_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
9019001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
9012\_1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
9022001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
9011001 T---G-G--G---TA---A---G---AG-C-A--G  
9016\_1001 T---G-G--G---TA---A---G---AG-C-A--G  
CR1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
CR18001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
AUS10001 TA---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
NIP76001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
NIP32001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
N3AII001 T---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
AUS1001 T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
F30\_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
F32\_M T---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
J178001 TA---G-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
N1B001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
N5B001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK40001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK39001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
CH8001 TA---CG-G--G---CA---A---G---AG-C-A--G  
HK44001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK45001 TA---G-G--G---A---A---G---AG-C-A--G  
HK55001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK30001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK67002 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G  
HK49001 TA---G-G--G---A---A---G---AG-C-A--G  
HK48001 TA---G-G--G---A---A---G---A--C-A--G

55, '61

301

29401_M	CGCATTTGGTGTCTCGTGGTTTGCAACGGGATATAGCCCGGCCTATTCTGG	
05677_M	-----T-----	
HK43001	-----T-----T-C-----	
HK66001	-A-----T-----	
N1AI001	-----T-----	
N5AI001	-----T-----	
C5825_M	-----	
CE91C001	-----T-----	
C4598_M	-----	
F68_M	-----T-----	
HK42001	-----	
HK54001	-----	
HK33001	-----	
HK52001	-----	
HK50001	-----T-----A-----	
HK29001	-----T-----A-----	
HK47001	-----T-----T-----	
HK51001	-----T-----T-----	
CE192C001	-----T-----	
F76_M	-----T-----	
HK35001	-----T-----	
C4084_M	-----T-----T-C-----	
N2_2001	-----T-----T-C-----	
CR3001	-----T-----	
AUS5001	-----	
J154001	-----A-----	
F31_M	-----	
J123001	-----T-----	

56/61

301

J133001	-----T-----
F24_M	-----T-----
J174001	-----T-----
AUS15001	-----T-----
TH8835001	-----T-----
TH8828001	-----T-----
J262001	-----T-----G-C-----G-----
F90_M	-----T-----R-----
TH8839001	-----T-----
TH8837001	-----A-T-----
AUS24001	-----T-T-----
F28_M	-A-----A-----
9016_2001	-----T-----T-C-----
9013_2001	-----T-----T-C-----
9012_2001	-----T-----T-C-----
HK41001	-----A-C-----T-----
HK46002	-----A-T-----
CH4001	-A-----T-----T-C-----T-----
07145_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-ACTT-TC-----
05676_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE26C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
F12_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
C4601_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----AT-AAT-T-----
CE56C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE197001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
C4602_M	-----CAA-AC-----C-----G-----A-CAC-----GT-AAT-T-----
C5654_M	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH3001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH5001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----



57/61

CH7001 301-----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
CR2001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
F67\_M -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
9019001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
9012\_1001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
9022001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
9011001 -A---CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
9016\_1001 -A---CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
CR1001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----  
CR18001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
NUS10001 -A---CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
NIP76001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
NIP32001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
N3AII001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
AUS1001 -----CAACAC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
F30\_M -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
F32\_M -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
J178001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----  
N1B001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----  
N5B001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK40001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK39001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
CH8001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK44001 -----CAACAC-----C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----  
HK45001 -----CAA-AC-----C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----  
HK55001 -----CAA-AC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK30001 -----CAACAC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK67002 -----CAACAC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK49001 -----CAACAC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----  
HK48001 -----CAACAC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----

58/61

351

29401_M	GGCGGTACTTT	(Genbank U29401)
05677_M	-----	(Genbank U05677)
HK43001	-----	(seq id no 194)
HK66001	-----	(seq id no 195)
N1AI001	-----	(seq id no 196)
N5AI001	-----	(seq id no 197)
C5825_M	-----	(seq id no 198)
CE91C001	-----	(seq id no 199)
C4598_M	-----	(seq id no 200)
F68_M	-----	(seq id no 201)
HK42001	-----	(seq id no 202)
HK54001	-----	(seq id no 203)
HK33001	-----	(seq id no 204)
HK52001	-----	(seq id no 205)
HK50001	-----	(seq id no 206)
HK29001	-----	(seq id no 207)
HK47001	-----	(seq id no 208)
HK51001	-----	(seq id no 209)
CE192C001	-----	(seq id no 210)
F76_M	-----	(seq id no 211)
HK35001	-----	(seq id no 212)
C4084_M	-----	(seq id no 213)
N2_2001	-----	(seq id no 214)
CR3001	-----	(seq id no 215)
AUS5001	-----	(seq id no 216)
J154001	-----	(seq id no 217)
F31_M	-----	(seq id no 218)
J123001	-----	(seq id no 219)

59/61

351

J133001	---	(seq id no 220)
F24_M	---	(seq id no 221)
J174001	---	(seq id no 222)
AUS15001	---	(seq id no 223)
TH8835001	---	(seq id no 224)
TH8828001	---	(seq id no 225)
J262001	---	(seq id no 226)
F90_M	---	(seq id no 227)
TH8839001	---	(seq id no 228)
TH8837001	---	(seq id no 229)
AUS24001	---	(seq id no 230)
F28_M	---GC---	(seq id no 231)
9016_2001	---	(seq id no 232)
9013_2001	---	(seq id no 233)
9012_2001	---	(seq id no 234)
HK41001	---	(seq id no 235)
HK46002	---	(seq id no 236)
CH4001	---	(seq id no 237)
07145_M	---T---AA---	(Genbank U07145)
05676_M	---T---C-AA---	(Genbank U05676)
CE26C001	C--T---AA---	(seq id no 238)
F12_M	---T---AA---	(seq id no 239)
C4601_M	---T---AA---	(seq id no 240)
CE56C001	---T---C-AA---	(seq id no 241)
CE197001	---T---AA---	(seq id no 242)
C4602_M	---T---C-AA---	(seq id no 243)
C5654_M	C--T---AA---	(seq id no 244)
CH3001	C--T---AA---	(seq id no 245)
CH5001	C--T---AA---	(seq id no 246)

CH7001	351C--T-----AA---	(seq id no 247)
CR2001	C--T-----AA---	(seq id no 248)
F67_M	C--T-----AA---	(seq id no 249)
9019001	C--T-----AA---	(seq id no 250)
9012_1001	---T-----AA---	(seq id no 251)
9022001	---T--C-AA---	(seq id no 252)
9011001	---T--C-AA---	(seq id no 253)
9016_1001	---T--C-AA---	(seq id no 254)
CR1001	---T--C-AA---	(seq id no 255)
CR18001	---T--C-AA---	(seq id no 256)
AUS10001	---T--C-AA---	(seq id no 257)
NIP76001	---T--C-AA---	(seq id no 258)
NIP32001	---T--C-AA---	(seq id no 259)
N3AII001	---T--C-AA---	(seq id no 260)
AUS1001	---T--C-AA---	(seq id no 261)
F30_M	---T--C-AA---	(seq id no 262)
F32_M	---T--C-AA---	(seq id no 263)
J178001	---T--C-AA---	(seq id no 264)
N1B001	---T-----AA---	(seq id no 265)
N5B001	---T-----AA---	(seq id no 266)
HK40001	---T-----AG---	(seq id no 267)
HK39001	---T-----AG---	(seq id no 268)
CH8001	C--T-----AA---	(seq id no 269)
HK44001	---T-----AG---	(seq id no 270)
HK45001	---T-----AG---	(seq id no 271)
HK55001	---T-----AG---	(seq id no 272)
HK30001	---T-----AG---	(seq id no 273)
HK67002	---T-----AA---	(seq id no 274)
HK49001	---T-----AG---	(seq id no 275)
HK48001	---T-----AG---	(seq id no 276)

61/61

Figure 15

